

3,3',4,4',5-ペンタクロロビフェニール暴露による化学的ストレスに応答するシロイヌナズナ遺伝子の cDNA マイクロアレイを用いた網羅的解析

小林 篤¹⁾、新田静香¹⁾、長坂洋光²⁾、久松 伸¹⁾、其木茂則^{1),3)}

¹⁾麻布大学大学院 環境保健学研究科 ²⁾国土環境株式会社 環境創造研究所 ³⁾麻布大学 ハイテク・リサーチ・センター

高濃度環境汚染が問題になっている PCB の中でも特にコプラナーPCB の強い人体毒性が重大問題になってきている。今回コプラナーPCB 暴露による化学的なストレスに鋭敏に発現応答する遺伝子の検索をシロイヌナズナ植物体を用いて試みた。将来この研究は植物遺伝子発現をバイオマーカーに用いるコプラナーPCB 汚染の環境モニタリングの研究に発展し、さらに従来からの化学的な環境リスク評価法に取って代わるものと期待される。今回、コプラナーPCB の中でも TEF 値の高い 3,3',4,4',5-ペンタクロロビフェニール (ペンタ CB) を用い、遺伝子解析の進んでいるシロイヌナズナをモデル植物として、約 2200cDNA のマイクロアレイを使用して遺伝子の解析を行った。その結果、ペンタ CB 暴露により約 30 の発現促進遺伝子と、100 余りの抑制遺伝子が見出された。さらにそれらの遺伝子発現を RT-PCR 法で詳細に解析した。

Comprehensive Analysis of Gene Expression Responding to the Chemical Stress of 3,3',4,4',5-Pentachlorobiphenyl in *Arabidopsis Thaliana* Using cDNA Microarray

Atsushi Kobayashi¹⁾, Shizuka Nitta¹⁾, Hiromitsu Nagasaka²⁾, Shin Hisamatsu¹⁾ and Shigenori Sonoki^{1),3)}

¹⁾ Graduate School of Environmental Health, Azabu University, Kanagawa 229-8501, Japan ²⁾ Institute of Environmental Ecology, Shin-Nippon Meteorological & Oceanographical Consultant Co., Ltd., Oh-igawa 1334-5, Shizuoka 421-0212, Japan. ³⁾ High-Tech Research Center, Azabu University, Kanagawa 229-8501, Japan

Among the polychlorinated biphenyls, the environmental toxicity of coplanar PCB (Co-PCB) is becoming more serious. In this study, the gene(s) responding to the chemical stress of Co-PCB in the genome of plant, *Arabidopsis thaliana*, was (were) sought using Arabidopsis DNA microarray. This study, which investigated the usefulness of monitoring plant gene expression as a biomarker for the environmental contamination of Co-PCB, is expected to lead to the substituted strategy for the usual chemical method in the risk assessment of Co-PCB contamination. Two-week-old seedlings of *Arabidopsis thaliana* were exposed to 0.5 ppb 3,3',4,4',5-pentachlorobiphenyl (PeCB), which has the highest TEF value in Co-PCBs, for five days. Then, mRNAs of specific gene(s) responding to PeCB was (were) sought by Southern hybridization system using the Arabidopsis DNA microarray which has about 2200 cDNA fragments. As a result, we have found at least 30 genes that were up regulated in the expression by the exposure to PeCB. To the contrary, about 100 genes, which were down regulated by the exposure to PeCB, were also found.